饲粮中短期内单独及混合添加高水平燕麦β-葡聚糖和微晶纤维素对小鼠生长性能、器官指数和粪便细菌群落结构的影响*

张　玲　陈代文　余　冰　何　军　虞　洁　罗钧秋　毛湘冰　黄志清　郑　萍　罗玉衡*

（四川农业大学动物营养研究所，教育部动物抗病营养重点实验室，成都 611130）

摘　要：本试验旨在研究饲粮中短期内单独及混合添加高水平燕麦 β-葡聚糖和微晶纤维素（MCC）对小鼠生长性能、器官指数、粪便细菌群落结构的影响。选取 36 只健康的体重为（17.95±0.95） g 的 BALB/c 小鼠，按体重随机分为 4 组：对照组（CON 组），饲粮不含燕麦 β-葡聚糖和微晶纤维素；葡聚糖组（G 组），饲粮含 28%燕麦 β-葡聚糖；MCC 组（M 组），饲粮含 20%MCC；混合组（GM 组），饲粮含 14%燕麦 β-葡聚糖和 10%MCC。试验期为 21 d。结果显示：1）各组小鼠全期（第 1～21 天）平均日增重（ADG）差异不显著（*P*>0.05），而全期平均日采食量（ADFI）则差异显著（*P*<0.05），表现为 G 组<M 组<GM 组<CON 组。2）各组小鼠脾脏指数差异不显著（*P*>0.05），各纤维添加组（G 组、M 组、GM 组）与 CON 组小鼠附睾脂肪垫指数差异不显著（*P*>0.05），但 G 组和 M 组小鼠附睾脂肪垫指数均显著低于 GM 组（*P*<0.05）。3）试验第 4 天和第 7 天，G 组小鼠粪便细菌香农-威纳指数显著低于 CON 组（*P*<0.05）。PCR-变性梯度凝胶电泳（DGGE）图谱聚类分析显示，试验第 13 天、第 17 天时，各组小鼠粪便细菌群落结构差异明显，各组样品在进化树上各自聚类。由此可见，在小鼠饲粮中短期单独或混合添加高水平燕麦 β-葡聚糖和 MCC 均可降低小鼠的 ADFI，但不影响小鼠的 ADG 和脾脏指数；燕麦 β-葡聚糖和 MCC 混合添加比单独添加更能促进小鼠附睾脂肪的沉积；高水平燕麦 β-葡聚糖可降低小鼠粪便细菌的多样性；燕麦 β-葡聚糖和 MCC 的添加均可改变小鼠粪便微生物区系，暗示小鼠后肠可能存在特异性利用这 2 种纤维的核心菌群。

关键词：燕麦 β-葡聚糖；微晶纤维素；BABL/c 小鼠；生长性能；器官指数；粪便微生物区系

收稿日期：2016-12-15
基金项目：国家自然科学基金项目（31301987）
作者简介：张　玲（1991-），女，云南会泽人，硕士研究生，动物营养与饲料科学专业。E-mail: mosejinnian@163.com
*通信作者：罗玉衡，副研究员，硕士生导师，E-mail: luoluo212@126.com

中图分类号：S816　　　　文献标识码：A　　　文章编号：

膳食（饲粮）纤维（dietary fiber，DF）是指一类不能被人或动物小肠内源酶水解的具有 10 个及以上单体链节的碳水化合物，根据其水溶性可分为可溶性膳食纤维（soluble dietary fiber,SDF）和不可溶性膳食纤维（insoluble dietary fiber,IDF）[1]。流行病学研究发现，肥胖、大肠癌、糖尿病及某些心血管疾病与低 DF 摄入量有关[2-4]。DF 的生理功能与其理化特性有关，其膨胀特性和粒度大小对单胃动物结肠功能有很大影响，而 DF 在宿主后肠的发酵模式则会直接影响短链脂肪酸（short chain fatty acids,SCFAs）的种类和比例，进而影响机体能量代谢及肠道免疫功能[5-6]。

单胃动物肠道（尤其是结肠）中微生物数量巨大，组成复杂，受动物遗传背景、性别、年龄、免疫系统、肠道环境（pH 等）、饲粮等因素影响[7]。DF 是结肠细菌的主要可利用底物之一[8]。大量研究表明 DF 可提高动物肠道中某些益生菌（如双歧杆菌、乳酸杆菌）的丰度[9]，但不同类型 DF 对单胃动物后肠菌群结构的影响尚不清楚。

综上，本试验以 BALB/c 小鼠为研究对象，通过在其饲粮中单独或混合添加高水平典型 SDF（燕麦 β-葡聚糖）或典型 IDF[微晶纤维素（MCC）]，结合分子指纹技术，探索短期内 2 种类型 DF 对小鼠后肠细菌群落结构的影响，并考察不同类型 DF 对小鼠生长性能和器官指数的影响是否存在差异，为后期进一步研究 2 种类型 DF 对宿主能量代谢和肠道健康的影响机制奠定基础。

1　材料与方法

1.1　试验材料

燕麦 β-葡聚糖购自陕西慈缘生物科技有限公司，提取自燕麦，呈淡黄色粉末状，纯度为 70%，剩余 30%主要为燕麦麸和蛋白质；MCC 购自曲阜市天利药用辅料有限公司，呈白色粉末状，纯度≥99%；BALB/c 雄性小鼠购自成都达硕实验动物有限公司。

1.2　试验设计

选取 36 只 6 周龄、体况一致的健康 BALB/c 雄性小鼠（17.95±0.95） g，按体重随机分为 4 组，即对照组（CON 组，饲粮中不额外添加纤维）、葡聚糖组（G 组，饲粮中添加 28% β-葡聚糖）、MCC 组（M 组，饲粮中添加 20% MCC）和混合组（GM 组，饲粮中添加 14% 燕麦 β-葡聚糖+10% MCC），每组 9 只。以酪蛋白、玉米淀粉、蔗糖、豆油、棕榈油为基础

原料，参照 AIN93 标准，按等能等氮原则配制试验饲粮（表 1）。纤维添加组（G 组、M 组、GM 组）外源纤维含量为 19.6%~19.8%。本试验中除了考虑各组饲粮的蛋白质和碳水化合物水平，还考虑到各组总能的平衡。由于纤维添加剂量太大（约 20%），为使 4 组饲粮的总能尽可能接近，故在对照组添加了膨润土来降低该组的总能。另外，4 组饲粮的实测能蛋比差异不显著（P>0.05）。受试小鼠单笼饲养，自由采食和饮水，试验期为 21 d。

表 1　试验饲粮组成及营养水平（风干基础）

Table 1　Composition and nutrient levels of experimental diets (air-dry basis)

项目 Items	组别 Groups			
	G	M	GM	CON
原料 Ingredients/g				
酪蛋白 Casein	200	233	212	233
玉米淀粉 Corn starch	280	316	280	316
蔗糖 Sucrose	60	60	83	60
棕榈油 Palm kernel fat	100	111	105	111
大豆油 Soybean oil	10	10	10	10
亚麻籽油 Linseed oil	10	10	10	10
燕麦 β-葡聚糖 Oat β-glucan	280		140	
微晶纤维素 MCC		200	100	
膨润土 Bentonite clay				200
矿物元素预混料 Mineral permix[1)]	50	50	50	50
维生素预混料 Vitamin permix[2)]	10	10	10	10
合计 Total	1 000	1 000	1 000	1 000
营养水平 Nutrient levels				
计算值 Calculated values/%				
粗蛋白质 Crude protein	20.00	21.41	19.98	25.51
碳水化合物 Carbohydrate	55.49	54.88	56.02	46.22
粗脂肪 Crude fat	24.50	23.72	23.99	28.27
实测值 Measured energy and protein				
总能 Gross energy/(kJ/kg)	18.03	17.97	17.60	17.30
粗蛋白质 Crude protein/%	16.45	16.72	16.65	17.62
能蛋比 Energy/protein	1.09	1.07	1.06	0.98

[1)]矿物元素预混料为每千克饲粮提供 The mineral premix provided the following per kg of diets：Ca (as calcium carbonate) 5 000 mg，P (as potassium phosphate, monobasic) 3 000 mg，K (as monopotassium phosphate and potassium citrate monohydrate) 3 600 mg，Na (as sodium chloride) 1 039 mg，Cl (as sodium chloride) 1 631 mg，Mg (as magnesium oxide) 513 mg，Cu (as copper sulfate) 6 mg，Fe (as ferrous sulfate) 45 mg，Mn (as manganese sulfate) 10 mg，Zn (as zinc sulfate) 38 mg，I (as potassium iodide) 0.20 mg，Se (as sodium selenite)

0.10 mg。

2)维生素预混料为每千克饲粮提供 The vitamin premix provided the following per kg of diets：VA 4 000 IU，VD_3 1 000 IU，VE 75 IU，VK 0.90 mg，VB_1 5 mg，VB_2 6 mg，VB_6 6 mg，VB_{12} 0.025 mg，烟酸 nicotinic acid 30 mg，*D*-泛酸 *D*-pantothenic acid 15 mg，胆碱 choline (as choline bitartrate) 1 000 mg，叶酸 folic acid 2 mg，生物素 biotin 0.20 mg。

1.3 测定指标及方法

1.3.1 体重、采食量测定

在试验第 1 天、第 4 天、第 7 天、第 10 天、第 13 天、第 17 天、第 21 天清晨对小鼠进行空腹称重，计算每个阶段及全期平均日增重（ADG）；记录每只小鼠日采食量，并于试验结束计算全期平均日采食量（ADFI）和各阶段 ADFI。

1.3.2 脏器指数测定

于试验结束（第 21 天）称重后处死小鼠，采集脾脏和附睾脂肪垫并称重。按如下公式计算脏器指数：

脏器指数（mg/g）=脏器重量（mg）/小鼠活体重（g）。

1.3.3 小鼠粪便细菌多样性测定

于第 4 天、第 7 天、第 10 天、第 13 天、第 17 天、第 21 天无菌采集小鼠新鲜粪样，采用试剂盒（QIAamp DNA Stool Mini Kit，德国）提取粪便宏基因组 DNA，提取过程参照说明书进行。

每个组随机选取来自 3 只小鼠的粪便 DNA 样品作为模板，用 968f-GC[10]和 1401r[11]引物扩增细菌 16S rDNA V6～V8 可变区。PCR 扩增条件为：94 ℃ 5 min，94 ℃ 30 s，56 ℃ 20 s，68 ℃ 40 s，35 个循环，68 ℃延伸 7 min，采用 1.0%琼脂糖电泳鉴定 PCR 产物。

采用 Bio-Rad Dcode 进行变性梯度凝胶电泳(deaturing gradient gel electrophoresis,DGGE)，变性剂浓度梯度为 45%~60%。使用 1×TAE 缓冲液，80 V、60 ℃电泳 12 h，硝酸银染色，用 UVP 凝胶成像系统留图。

1.4 数据统计分析

用分析软件 Quantity One 4.6.2 对 PCR-DGGE 图谱进行条带计数及分析，并计算香农-

威纳指数（Shannon-Wiener index）。

小鼠生长性能和器官指数数据采用 SPSS 21.0 软件的单因素方差分析（one-way ANOVA）程序进行统计分析，并采用 Duncan 氏法进行组间的多重比较检验，数据表示为平均值±标准差。*P*<0.05 为差异显著，*P*<0.01 为差异极显著。

2 结 果

2.1 各组小鼠体重、体增重和采食量变化

各组小鼠体重随饲养时间的延长均呈上升趋势（表 2）。试验结束时，G 组、M 组、GM 组和 CON 组小鼠体重分别增长 16.77%、17.46%、17.41%和 16.74%，各组间无显著差异（*P*>0.05）。试验第 7 天，G 组小鼠体重显著低于其他各组（*P*<0.05）。

表 2 试验期间各组小鼠体重变化

Table 2 Change of body weight of mice from different groups during the whole experimental period g

组别 Groups	第 1 天 Day 1	第 4 天 Day 4	第 7 天 Day 7	第 10 天 Day 10	第 13 天 Day 13	第 17 天 Day 17	第 21 天 Day 21
G	17.86±0.63	17.99±1.51	18.32±1.48^{b}	19.49±1.10	20.39±1.15	20.70±1.09	20.83±0.91
M	17.99±1.45	19.21±1.54	19.63±1.49^{a}	19.79±1.51	19.40±1.32	20.19±1.00	21.06±1.79
GM	17.89±0.76	18.90±1.75	20.28±0.96^{a}	19.97±0.89	20.30±0.75	19.90±1.83	21.00±1.19
CON	17.96±0.87	19.07±1.72	20.17±1.05^{a}	20.48±1.12	19.97±1.92	20.51±1.55	20.97±1.62
P 值 *P*-value	0.991	0.417	0.010	0.356	0.411	0.642	0.989

同列数据肩标相同字母或无字母表示差异不显著（*P*>0.05），不同字母表示差异显著（*P*<0.05）。下表同。

In the same column, values with the same or no letter superscripts showed no significant difference (*P*>0.05), while with different letter superscripts showed significant difference (*P*<0.05). The same as below.

第 3 阶段（第 7～9 天）和第 4 阶段（第 10~12 天）小鼠 ADG 受到组别因素的显著影响（*P*<0.05）（表 3）。第 3 阶段，各纤维添加组与 CON 组小鼠 ADG 差异不显著（*P*>0.05），但 G 组小鼠 ADG 显著高于 M 组和 GM 组（*P*<0.05）；第 4 阶段，G 组小鼠 ADG 显著高于 M 组和 CON 组（*P*<0.05），但与 GM 组差异不显著（*P*>0.05）。

表 3　试验期间各组小鼠 ADG 变化

Table 3　Change of ADG of mice from different groups during the whole experimental period　g

组别 Groups	第 1~3 天 Day 1 to 3	第 4~6 天 Day 4 to 6	第 7~9 天 Day 7 to 9	第 10~12 天 Day 10 to 12	第 13~16 天 Day 13 to 16	第 17~21 天 Day 17 to 21	第 1~21 天 Day 1 to 21
G	0.13±1.71	0.33±1.51	1.17±1.11^{a}	0.90±0.67^{a}	0.31±1.09	0.13±0.91	2.98±0.98
M	1.22±1.34	0.42±1.75	0.16±1.16^{b}	-0.39±1.28^{b}	0.79±1.14	0.87±1.41	3.07±1.87
GM	1.01±1.52	1.38±1.66	-0.31±0.58^{b}	0.33±1.02^{ab}	-0.40±1.81	1.10±1.25	3.11±0.93
CON	0.82±1.67	0.88±1.58	0.43±0.69^{ab}	-0.56±0.97^{b}	0.73±1.03	0.32±0.78	2.63±1.61
P 值 *P*-value	0.495	0.513	0.015	0.016	0.212	0.241	0.887

除第 4 阶段外，各阶段各组小鼠 ADFI 均受到组别因素的显著或极显著影响（$P<0.05$ 或 $P<0.01$）（表 4），总体表现为 CON 组最高，G 组最低，M 组略高于 GM 组。

表 4　试验期间各组小鼠 ADFI 变化

Table 4　Change of ADFI of mice from different groups during the whole experimental period　g/d

组别 Groups	第 1~3 天 Day 1 to 3	第 4~6 天 Day 4 to 6	第 7~9 天 Day 7 to 9	第 10~12 天 Day 10 to 12	第 13~16 天 Day 13 to 16	第 17~21 天 Day 17 to 21	第 1~21 天 Day 1 to 21
G	3.53±1.13^{b}	3.61±1.02^{c}	3.16±0.47^{b}	3.71±0.42^{b}	3.28±0.69^{c}	3.33±0.65^{b}	3.42±0.26^{d}
M	4.59±1.19^{ab}	5.03±1.40^{ab}	3.36±0.59^{b}	3.78±0.69^{ab}	4.93±1.20^{b}	5.79±0.37^{a}	4.62±0.47^{b}
GM	3.86±1.13^{b}	4.46±1.01^{bc}	3.08±0.39^{b}	3.57±0.52^{b}	4.83±0.48^{b}	5.32±1.28^{a}	4.23±0.38^{c}
CON	5.49±1.62^{a}	5.66±1.06^{a}	3.96±0.79^{a}	4.38±0.85^{a}	6.01±0.61^{a}	5.73±1.15^{a}	5.21±0.47^{a}
P 值 *P*-value	0.014	0.004	0.012	0.058	<0.001	<0.001	<0.001

2.2　各组小鼠器官指数差异

由表 5 可知，各组小鼠脾脏指数和附睾脂肪垫指数与 CON 组相比差异不显著（$P>0.05$），

GM 组小鼠附睾脂肪垫指数显著高于 G 组和 M 组（P<0.05）。

表 5　各组小鼠器官指数

Table 5　Organ indexes of mice from different groups　　mg/g

组别 Groups	脾脏指数 Spleen index	附睾脂肪垫指数 Epididymal fat index
G	3.33±0.43	9.30±2.69^{b}
M	3.07±0.68	8.48±3.31^{b}
GM	3.27±0.44	11.84±1.55^{a}
C	3.40±0.36	9.95±1.55^{ab}
P 值 *P*-value	0.519	0.035

2.3　各组小鼠后肠细菌群落结构差异

由表 6 可知，不同时间点各组小鼠粪便细菌多样性存在差异。试验第 4 天，G 组小鼠粪便细菌香农-威纳指数显著低于 CON 组（P<0.05）；试验第 7 天，G 组小鼠粪便细菌香农-威纳指数显著低于其他各组（P<0.05）；试验第 10 天，各纤维添加组小鼠粪便细菌香农-威纳指数与 CON 组差异不显著（P>0.05），但 M 组小鼠粪便细菌香农-威纳指数显著高于 G 组和 GM 组（P<0.05）。

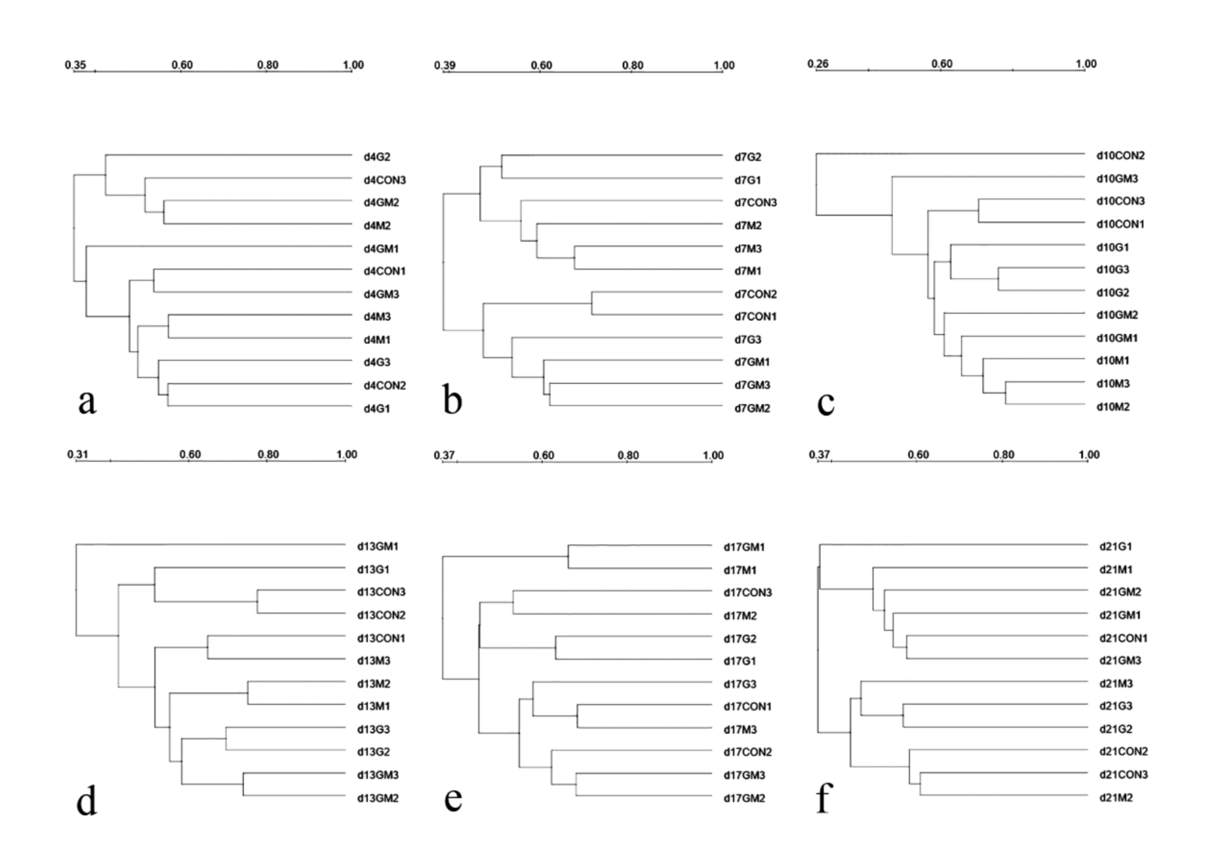
表 6　各组小鼠粪便细菌香农-威纳指数

Table 6　Bacterial Shannon-Wiener index of feces of mice from different groups

组别 Groups	第 4 天 Day 4	第 7 天 Day 7	第 10 天 Day 10	第 13 天 Day 13	第 17 天 Day 17	第 21 天 Day 21
G	3.42±0.17^{b}	3.40±0.04^{b}	3.41±0.17^{b}	3.47±0.11	3.25±0.12	3.38±0.20
M	3.66±0.17^{ab}	3.71±0.11^{a}	3.77±0.06^{a}	3.58±0.09	3.32±0.02	3.41±0.03
GM	3.71±0.16^{ab}	3.65±0.04^{a}	3.45±0.06^{b}	3.58±0.09	3.05±0.26	3.51±0.21
CON	3.91±0.06^{a}	3.77±0.13^{a}	3.60±0.15^{ab}	3.54±0.09	3.13±0.04	3.64±0.03
P 值 *P*-value	0.027	0.004	0.025	0.445	0.193	0.202

PCR-DGGE 图谱进化树聚类分析表明，试验开始时各组样品随机聚类（图 1-a）；试验

第 7 天、第 10 天和第 13 天，同一组样品聚于同一类簇（图 1-b、图 1-c 和图 1-d）；试验第 7 天时，CON 组、G 组和 M 组各有 2 个样品聚于同簇，相似性分别为 71%、52%和 60%，GM 组有 3 个样品聚于同簇，相似性为 60%；试验第 10 天时，G 组和 M 组各有 3 个样品聚于同簇，相似性分别为 63%和 72%，CON 组和 GM 组各有 2 个样品聚于同簇，相似性分别为 71%和 61%；试验第 13 天，每组各有 2 个样品聚于同簇，相似性分别为 70%（G 组）、75%（M 组）、74%（GM 组）和 78%（CON 组）；试验第 17 天，总体上各组随机聚类，但 G 组和 GM 组仍各有 2 个样品聚于同簇，相似性分别为 63%和 68%(图 1-e)；试验第 21 天，仅 G 组有 2 个样品聚于同簇，相似性为 57%，其余各组随机聚类（图 1-f）。



使用 UPMGA 方法对 PCR-DGGE 图谱进行聚类分析，图 a 至图 f 分别表示 6 个采样时间点的进化树。d4、d7、d10、d13、d17、d21 分别代表第 4 天、第 7 天、第 10 天、第 13 天、第 17 天和第 21 天的粪便样品。CON 表示无额外添加纤维对照组，G 表示添加燕麦 β-葡聚糖组，M 表示添加微晶纤维素组，GM 表示添加燕麦 β-葡聚糖和微晶纤维素混合组。

The cluster analysis was generated using UPMGA method according to the PCR-DGGE profile, and the phylogenetic trees of 6 sampling time points were showed in figure a to figure f. Symbols d4, d7, d10, d13, d17 and d21 mean fecal samples obtained at days 4, 7, 10, 13, 17 and 21, respectively. CON, control group without extra fiber supplementation; G, oat-derived β-glucan supplemented group; M, MCC supplemented group; GM, the mixture of oat-derived β-glucan and MCC supplemented group.

图 1　PCR-DGGE 图谱聚类分析

Fig.1　Cluster analysis of PCR-DGGE profile

3　讨　论

3.1　不同类型饲粮纤维对小鼠体重和采食量的影响

目前，有关 SDF 或 IDF 对大鼠、小鼠体重影响的报道较多且结果不一。研究表明，给小鼠饲喂不同分子质量的 β-葡聚糖 6 周，可显著降低小鼠体重[12]。Dongowski 等[13]曾报道，在大鼠饲粮中添加富含 β-葡聚糖的大麦会提高大鼠的增重幅度。而另有研究报道，在大鼠饲粮中添加 10%纤维素，对大鼠体重无显著影响[14]。本试验结果表明，短期内，在饲粮中单独或混合添加高水平燕麦 β-葡聚糖和 MCC 对小鼠试验末体重和全期 ADG 均无显著影响。

与 CON 组相比，各纤维添加组小鼠的 ADFI 均偏低，可能与高水平饲粮纤维降低饲粮的适口性有关。小鼠采食含燕麦 β-葡聚糖的饲粮时，其 ADFI 显著低于其余各组，与前人研究结果一致[15]，推测其原因可能有以下 2 个方面：一是高黏度的 β-葡聚糖会减缓胃排空率和肠道通过速率[16-17]，二是 β-葡聚糖在后肠可被微生物发酵产生 SCFAs[18]，而这 2 种因素均可刺激某些厌食激素如［酪酪肽(PYY)、胰高血糖素样肽-1（GLP-1）等］的分泌，使机体产生饱腹感[19-21]，抑制食欲，降低采食量。

在整个试验期内，G 组小鼠的 ADFI 一直处于低水平，且在第 7 天时体重表现出显著低于其他组的情况，而试验末体重与其他组无显著差异。与此结果相类似，Isken 等[22]的研究也发现，给高脂饲粮诱导肥胖小鼠饲喂含 10% SDF（瓜尔胶）和 IDF（谷类纤维）的饲粮 45 周，发现 SDF 组小鼠体重显著高于 IDF 组，粪便能量显著降低，结肠 SCFAs 含量显著增加。有趣的是，在试验第 3 阶段和第 4 阶段，G 组小鼠的 ADG 均为最高。单胃动物后肠微生物发酵纤维产生的 SCFAs 被认为是宿主重要的能量来源之一[23-24]。据此推测，燕麦 β -葡

聚糖在小鼠后肠被发酵产生大量 SCFAs，被宿主肠上皮吸收后可能作为能量补充，造成 G 组小鼠虽然采食量一直偏低，但其增重较快，最终体重与其他组之间无显著差异，具体机制还有待进一步证实。

在本试验条件下，M 组和 GM 组小鼠的全期 ADFI 也显著低于 CON 组，然而试验末体重与 CON 组无显著差异。其原因可能是，少部分 IDF 在后肠可被细菌发酵，产生 SCFAs，间接供能；另外，IDF 可提高食糜通过速率，这种类似于“清扫”的机制可能减少有害菌的黏附，有益肠道健康，更利于营养物质吸收，具体机制有待进一步证明。

3.2 不同类型饲粮纤维对小鼠器官指数的影响

DF 对动物机体具有免疫促进作用[25]。脾脏作为次级淋巴器官，与体液免疫和细胞免疫关系密切，脾脏指数可以作为衡量机体免疫状态的初步指标[26]。但本试验中各组小鼠脾脏指数无显著差异，可能与 DF 对免疫系统的影响主要在肠道有关[27-28]，因此进一步研究将集中探索 DF 对小鼠肠道免疫系统的影响及其机制。

据报道，燕麦 SDF 具有抑制体脂沉积的作用[29]。在高脂饲粮中添加 7.5%～30.0%燕麦麸可显著降低大鼠附睾脂肪含量[30]。有趣的是，本研究发现，单独及混合添加高水平燕麦 β-葡聚糖和 MCC 均对小鼠附睾脂肪垫指数无显著影响，但 2 种类型的纤维的混合添加则导致小鼠附睾脂肪垫指数显著高于单独添加组，据此猜测燕麦 β-葡聚糖和 MCC 对小鼠脂肪沉积可能存在较为复杂的互作效应，具体机制有待进一步研究。

3.3 不同类型饲粮纤维对小鼠粪便细菌群落结构的影响

研究发现，肠道微生物对膳食结构的改变极为敏感，细菌群落结构在短期内即做出响应[31]。周梦怡[32]用 PCR-DGGE 技术比较了饲喂了 28 d 含纤维素和索拉胶饲粮的小鼠盲肠细菌群落结构，发现 2 组小鼠盲肠细菌分别聚为 2 个不同类簇，表现出明显的饮食特异性，本试验结果与之类似。

本研究发现，采食含高水平燕麦 β-葡聚糖饲粮的小鼠粪便细菌多样性在整个试验期均处于较低水平，这与 Snart 等[33]在大鼠上的研究结果相反，其原因可能是本试验中燕麦 β-葡聚糖的添加量(20%)更高所致。这也提示我们，饲粮纤维对单胃动物后肠细菌多样性的影响很可能不仅与其种类有关，还与其添加量密切相关。然而，PCR-DGGE 技术通常只能检测到占细菌总量 1%及以上的类群[34]，尽管试验后期各组小鼠粪便细菌多样性表现为差异不

显著，但聚类分析结果却暗示小鼠后肠存在特异性利用 SDF 或 IDF 的核心菌群，有待进一步研究。

4 结　论

① 本试验条件下，短期内单独添加或混合添加燕麦 β-葡聚糖和 MCC 均会降低小鼠的 ADFI，但对其 ADG 的影响并不显著。

② 饲粮中单独添加燕麦 β-葡聚糖或微晶纤维素对小鼠脾脏指数和附睾脂肪垫指数均无显著影响，但是这 2 种纤维混合饲喂则可促进小鼠附睾脂肪垫中脂肪的沉积。

③ 不同类型饲粮纤维对小鼠粪便菌群结构均产生了影响，且燕麦 β-葡聚糖与 MCC 导致小鼠粪便菌群结构产生差异的原因可能不同。现有结果暗示小鼠后肠存在特异性降解 SDF 或 IDF 的菌群。

参考文献：

[1] Codex Alimentarius Commission.Report of the 30th session of the codex committee on nutrition and foods for special dietary uses[R].Cape Town:Codex Alimentarius Commission,2009.

[2] GUTKOSKI L C,DE ALMEIDA BONAMIGO J M,DE FREITAS TEIXEIRA D M,et al.Development of oat based cereal bars with high dietary fiber content[J].Food Science and Technology (Campinas),2007,27(2):355–363.

[3] SIERRA M,GARCÍA J J,FERNÁNDEZ N,et al.Therapeutic effects of psyllium in type 2 diabetic patients[J].European Journal of Clinical Nutrition,2002,56(9):830–842.

[4] LATTIMER J M,HAUB M D.Effects of dietary fiber and its components on metabolic health[J].Nutrients,2010,2(12):1266–1289.

[5] BRESTOFF J R,ARTIS D.Commensal bacteria at the interface of host metabolism and the immune system[J].Nature Immunology,2013,14(7):676–684.

[6] MASLOWSKI K M,MACKAY C R.Diet,gut microbiota and immune responses[J].Nature Immunology,2011,12(1):5–9.

[7] SCOTT K P,GRATZ S W,SHERIDAN P O,et al.The influence of diet on the gut microbiota[J].Pharmacological Research,2013,69(1):52–60.

[8] HAMAKER B R,TUNCIL Y E.A perspective on the complexity of dietary fiber structures and their potential effect on the gut microbiota[J].Journal of Molecular Biology,2014,426(23):3838–3850.

[9] LEE Y K,SALMINEN S.Handbook of probiotics and prebiotics[M].2nd ed.New York:John Wiley & Sons,2009.

[10] LANE D J.16S/23S rRNA sequencing[J].Nucleic Acid Techniques in Bacterial Systematics,1991:125–175.

[11] NÜBEL U,ENGELEN B,FELSKE A,et al.Sequence heterogeneities of genes encoding 16S rRNAs in *Paenibacillus polymyxa* detected by temperature gradient gel electrophoresis[J].Journal of Bacteriology,1996,178(19):5636–5643.

[12] BAE I Y,LEE S,KIM S M,et al.Effect of partially hydrolyzed oat β-glucan on the weight gain and lipid profile of mice[J].Food Hydrocolloids,2009,23(7):2016–2021.

[13] DONGOWSKI G,HUTH M,GEBHARDT E,et al.Dietary fiber-rich barley products beneficially affect the intestinal tract of rats[J].The Journal of Nutrition,2002,132(12):3704–3714.

[14] 林利平,李珏声,吴晖云,等.膳食纤维不同成分对大鼠脂质代谢的影响[J].营养学报,1993,15(2):137–141.

[15] 张培培,樊明涛,胡新中,等.燕麦全粉和燕麦 β-葡聚糖对大鼠生长和血液生化指标的影响[J].中国粮油学报,2010,25(9):27–31.

[16] EL KHOURY D,CUDA C,LUHOVYY B L,et al.Beta glucan:health benefits in obesity and metabolic syndrome[J].Journal of Nutrition and Metabolism,2012,2012:851362.

[17] SCHROEDER N,MARQUART L F,GALLAHER D D.The role of viscosity and fermentability of dietary fibers on satiety- and adiposity-related hormones in rats[J].Nutrients,2013,5(6):2093–2113.

[18] LIN H V,FRASSETTO A,KOWALIK E J,Jr,et al.Butyrate and propionate protect against diet-induced obesity and regulate gut hormones via free fatty acid receptor 3-independent mechanisms[J].PLoS One,2012,7(4):e35240.

[19] OVERDUIN J,SCHOTERMAN M H C,CALAME W,et al.Dietary galacto-oligosaccharides and calcium:effects on energy intake,fat-pad weight and satiety-related,gastrointestinal hormones in rats[J].British Journal of Nutrition,2013,109(7):1338–1348.

[20] ZHOU J,MARTIN R J,TULLEY R T,et al.Dietary resistant starch upregulates total GLP-1 and PYY in a sustained day-long manner through fermentation in rodents[J].American Journal of Physiology-Endocrinology and Metabolism,2008,295(5):E1160–E1166.

[21] ADAM C L,WILLIAMS P A,DALBY M J,et al.Different types of soluble fermentable dietary fibre decrease food intake,body weight gain and adiposity in young adult male rats[J].Nutrition & Metabolism,2014,11(1):36.

[22] ISKEN F,KLAUS S,OSTERHOFF M,et al.Effects of long-term soluble vs. insoluble dietary fiber intake on high-fat diet-induced obesity in C57BL/6J mice[J].The Journal of Nutritional Biochemistry,2010,21(4):278–284.

[23] SCHLEY P D,FIELD C J.The immune-enhancing effects of dietary fibres and prebiotics[J].British Journal of Nutrition,2002,87(Suppl.2):S221-S230.

[24] ANGUITA M,CANIBE N,PÉREZ J F,et al.Influence of the amount of dietary fiber on the available energy from hindgut fermentation in growing pigs:use of cannulated pigs and *in vitro* fermentation[J].Journal of Animal Science,2006,84(10):2766–2778.

[25] MCNEIL N I.The contribution of the large intestine to energy supplies in man[J].The American Journal of Clinical Nutrition,1984,39(2):338–342.

[26] 王大军,王琦,王宁萍,等.鹅绒藤总生物碱对小鼠体液免疫功能的影响[J].宁夏医科大学学报,2009,31(2):161–162,170.

[27] YAMADA K,TOKUNAGA Y,IKEDA A,et al.Effect of dietary fiber on the lipid metabolism and immune function of aged Sprague-Dawley rats[J].Bioscience,Biotechnology,and Biochemistry,2003,67(2):429–433.

[28] LIM B O,YAMADA K,NONAKA M,et al.Dietary fibers modulate indices of intestinal immune function in rats[J].The Journal of Nutrition,1997,127(5):663–667.

[29] 申瑞玲,陈明,董吉林.燕麦水溶性膳食纤维对高脂喂养小鼠肥胖预防研究[J].粮食与油

脂,2012,25(2):10–12.

[30] PENG C H,CHANG H C,YANG M Y,et al.Oat attenuate non-alcoholic fatty liver and obesity via inhibiting lipogenesis in high fat-fed rat[J].Journal of Functional Foods,2013,5(1):53–61.

[31] RAMIREZ-FARIAS C,SLEZAK K,FULLER Z,et al.Effect of inulin on the human gut microbiota:stimulation of *Bifidobacterium adolescentis* and *Faecalibacterium prausnitzii*[J].British Journal of Nutrition,2008,101(4):541–550.

[32] 周梦怡.索拉胶对肠道生理和病理调节作用的研究[D].博士学位论文.南京:南京理工大学,2014.

[33] SNART J,BIBILONI R,GRAYSON T,et al.Supplementation of the diet with high-viscosity beta-glucan results in enrichment for lactobacilli in the rat cecum[J].Applied and Environmental Microbiology,2006,72(3):1925–1931.

[34] BEN OMAR N,AMPE F.Microbial community dynamics during production of the Mexican fermented maize dough pozol[J].Applied and Environmental Microbiology,2000,66(9):3664–3673.

Short-Term Adding High-Level Oat β-Glucan, Microcrystalline Cellulose and Their Mixture in Diets Affects Growth Performance, Organ Indexes and Fecal Bacterial Community Structure in Hindgut of Mice †

ZHANG Ling CHEN Daiwen YU Bing HE Jun YU Jie LUO Junqiu MAO Xiangbing HUANG Zhiqing ZHENG Ping LUO Yuheng*

（*Key Laboratory for Animal Disease-Resistance Nutrition of China*, *Ministry of Education*, *Animal Nutrition Institute*, *Sichuan Agricultural University*, *Chengdu* 611130, *China*）

Abstract: This experiment was conducted to investigate the effects of adding high-level oat β-glucan, microcrystalline cellulose as well as their mixture in diets on the growth performance, organ indexes and fecal bacterial community structure of mice with a short-term feeding

---

*Corresponding author, associate professor, E-mail: luoluo212@126.com （责任编辑 菅景颖）

experiment. Thirty-six healthy BALB/c mice with the body weight of (17.95±0.95) g were selected and randomly allocated to four groups according to body weight, and each group had 9 mice. Mice in control group (CON group) were fed a diet without oat β-glucan and microcrystalline cellulose, while mice in the other three groups were fed diets with 28% oat β-glucan (G group), 20% microcrystalline cellulose (M group), and 14% oat β-glucan and 10% microcrystalline cellulose (GM group), respectively. Each animal was raised in single cage, and the experiment lasted for 21 days. The results showed as follows: 1) during the whole experimental period, the average daily gain (ADG) of mice showed no significant difference among groups (*P*>0.05), but the average daily feed intake (ADFI) of mice showed significantly different among groups (*P*<0.05), and the trend was presented as G group<M group<GM group<CON group. 2) The spleen index of mice in the four groups showed no significant difference (*P*>0.05). The epididymal fat index of mice showed no significant difference between CON group and the three fiber supplemented groups (G, M and GM groups) (*P*>0.05), but it showed significantly lower in G and M groups than GM group (*P*<0.05). 3) Bacterial Shannon-Wiener index of feces of mice in G group was significantly lower than that in CON group (*P*<0.05). According the cluster analysis of PCR-DGGE profile, fecal bacterial community structure of mice had significant difference in among groups, fecal samples from each group could be clustered into separate clade on experimental day 13 and 17. In conclusion, short-term adding high-level oat β-glucan, microcrystalline cellulose or their mixture in diets can decrease the ADFI of mice, bur with no effect on the ADG and spleen index. The supplementation of oat β-glucan and microcrystalline cellulose mixture stimulates the epididymal fat deposition rather than the supplementation of single-type fiber. The high-level oat β-glucan can decrease the bacterial diversity in the hindgut of mice. Both of the oat β-glucan and microcrystalline cellulose can alter the fecal microflora of mice, indicating that there may be different core bacterial groups specifically utilizing the two types of dietary fibers.

Key words: oat β-glucan; microcrystalline cellulose; BABL/c mice; growth performance; organ indexes; fecal microflora